

Filtragem do Proteoma de *Phakopsora pachyrhizi* para Identificação de Proteínas Secretadas e Efetoras

Giovana Wandalen Scottini; Mateus Ferreira Santana.
Consumo e Produção Responsável
Pesquisa

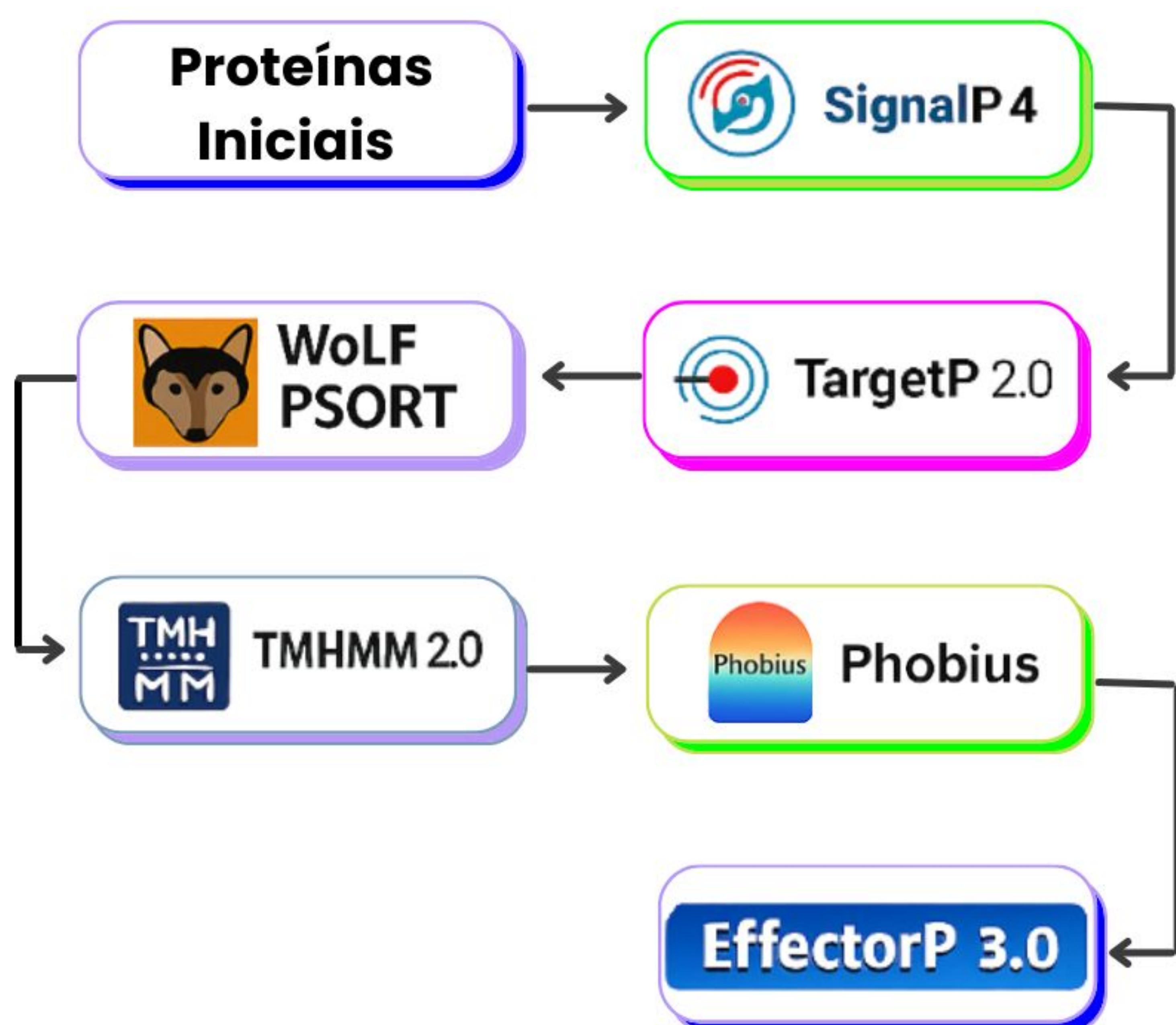
Introdução

A ferrugem asiática da soja, causada por *Phakopsora pachyrhizi*, é uma das doenças mais graves da cultura, gerando altos prejuízos econômicos. O fungo, de natureza biotrófica, depende da secreção de efetores para manipular as defesas da planta hospedeira. No continente asiático já foram registradas perdas de até 80% da produção, e no Brasil e América Latina a doença também representa um grande desafio para a produtividade da soja (Sharma et al., 2022; Helfer, 2013).

Objetivos

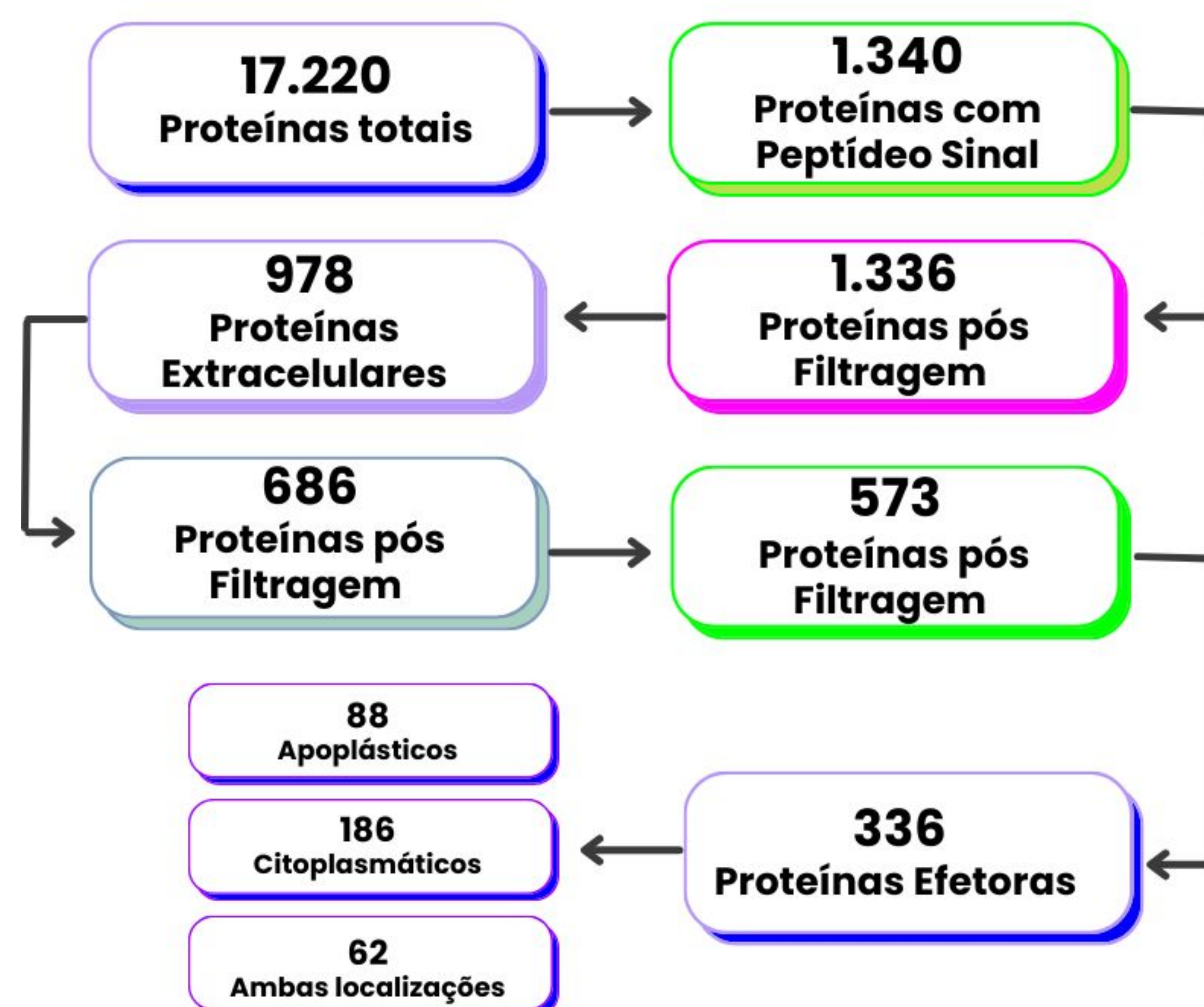
Identificar e priorizar proteínas candidatas ao secretoma in silico de *P. pachyrhizi*, utilizando análises bioinformáticas para detectar aquelas com características de efetores, contribuindo para compreender as estratégias de infecção do patógeno.

Metodologia



Apoio Financeiro

Resultados



Conclusões

A partir da análise in silico do secretoma de *Phakopsora pachyrhizi*, foi possível identificar um conjunto relevante de proteínas candidatas a efetores, potencialmente responsáveis por manipular as respostas da soja e facilitar a infecção pelo patógeno. A metodologia aplicada confirmou a eficácia do uso de ferramentas bioinformáticas para refinar grandes volumes de dados proteicos e detectar candidatos prioritários com características funcionais típicas de efetores. Futuras investigações incluirão o uso do secretoma em análises de rede de interação proteica, visando compreender melhor os mecanismos de patogenicidade da ferrugem asiática da soja e desenvolver novas táticas de controle, contribuindo assim para mitigar as perdas econômicas causadas por essa doença.

Bibliografia

